

SEQ ID NO:30	MRSYR-FSDYLHMSVFSNDMDLFCGEDSGVFSGESTVDFSSEVDSWPGD-----
SEQ ID NO:8	MGDAAASTSAPTTPTSI-----LICLEDGSDLLADADDGAGTDLVVARDERLLVVDQDEE
SEQ ID NO:10	HELTASS-----LC-----
SEQ ID NO:12	MNAEPPLPPALLMSVCLSDYDLLCGEDSSGILSGESPECFSFSDIDSSPPPPSPPTTEDCY
SEQ ID NO:14	ARA-----GIM-DSSPECS-SDLDSPPSEAE-----

1 60

SEQ ID NO:30	SIACFIEDERHFVPGHDYLSRFQTRSLDASAREDSVAWILKVQAYYNFQPLTAYLAVNYM
SEQ ID NO:8	YVALLLSKESASGGG-GPVEEMEDWM--KAARSGCVRWIKTTAMFRFGGKTAYYVAVNYL
SEQ ID NO:10	-----WL--Q-----TNAGFRFSLKTAYYAVTYL
SEQ ID NO:12	SIASFIEHERNFVPGFEYLSRFQSRSLDANAREESVGWILKVHAYYGFQPLTAYLAVNYM
SEQ ID NO:14	SIAGFMEDEERNFVPGFEYLNRFQSRSLDASAREESVAWILKVQAYYAFQPVNTAYLSVNYL

61 120

SEQ ID NO:30	DRFLYARRLP-ETSGWPMQLLAVACLSLAAKMEELVPSLDFQVAGVKYLFEAKTIKRM
SEQ ID NO:8	DRFLAQRRVNRE-HAWGLQLLMVACMSLATKLEHHAPRLSEFPDLDAACEFAFDSASILRM
SEQ ID NO:10	DRFLARRCVDNRD-KEWALQLLSVACLSLAAKVEERRPPRLPEFKLDM---YDCASLMRM
SEQ ID NO:12	DRFLDSRRLP-ETNGWPLQLVSVACLSLAAKMEELVPSLLDLQIEGAKYIFEPRRTIRRM
SEQ ID NO:14	DRFLNSRPLPPKTNWPLQLLSVACLSLAAKMEELVPSLLDLQVEGAKYVFEPKTIRRM

121 180

SEQ ID NO:30	ELLVLSVLDWRLRSVTPPFDIFISFFAYKIDPSGTFLGFFISHATEIILSNIKEASFLEYWP
SEQ ID NO:8	ELLVLGTLIEWRMIAVTPFPYISYFAARFRETSA--GRILMRAVECVFAAIKVISSVEXRP
SEQ ID NO:10	ELLVLTTLKWQMITETPFSYLNCFATAFRHDER--KAIVLRAIECIFASIKVISSVGYP
SEQ ID NO:12	ELLVLGVLDWRLRSVTPPLCFLAFFACKVDSTGTFTIRFLISRATEIIVSNIQEASFLAYWP
SEQ ID NO:14	ELLVLGVLDWRLRSVTPPFSFLDFFACKLDDSTGTFTGFLISRATQIILSNIQEASFLAYWP

181 240

Fig. 2A



SEQ ID NO:30  
SEQ ID NO:8  
SEQ ID NO:10  
SEQ ID NO:12  
SEQ ID NO:14

SSIAAAAILCVANELPSLSSVVNPHEPWC DGLSKEKIVRCYRLMKAMAIENNRLNTP  
STIAVASIL-----  
STIALAAAIL-----IARNKETAP  
SCIAAAAILTAANEIPNWS-VVKP-ENAESWCEGLRKEKVI GCYQLMQELVINNNQ RKLP  
SCIAAAAILHAAANEIPNWS-LVRP-EHAESWCEGLRKEKII GCYQLMQELVIDNNQ RKPP  
241 300

SEQ ID NO:30  
SEQ ID NO:8  
SEQ ID NO:10  
SEQ ID NO:12  
SEQ ID NO:14

--KVI AKLRVSVRA-----SSTLTRPSDESSP--CKRRKLSGYSWVGDETSTSN  
-----  
NLDELSVHRLAPWQLMM-----L  
LLKVL PQLRVTTTRTRMRSSTVSSF--SSSSSTSFSLSCKRRKLNRLWVDD-KGNSE  
--KVL PQLRVTTISRPIMRSSVSSFLASSSSPSSSSLS CRRRKLNNSLWVDDDKGNSQ  
301 357

Fig. 2B



SEQ ID NO:31	MAADNIYDFVASNLLCTETKS--LCFDDVDVSLTISQQNIETKSKDLSFNNGIRSEPLIDL	
SEQ ID NO:18	MAP-SCYDAAAASMLLCAEEHSSILWYEE-----EEEELEAVGRRSRSPGYGDDDFGADL	
SEQ ID NO:22	-----	1
		60
SEQ ID NO:31	-PSLSEECLSFMVQREMEFLPKDDYVERLRSGDLDL-SVRKEALDWILKAHMHYGFGEELS	
SEQ ID NO:18	FPPQSEECVAGLVERERDHPGCPYCDRLRGGGCL-CVRREAVDWIWKAYTHHRFRPLT	
SEQ ID NO:22	-----HLRATRGCPRPVRRD-----HPSSDLT	61
		120
SEQ ID NO:31	FCLSYLDLDRFLSLYELPRSKTWTVQLLAVACLSLAAKMEEINVLTVDLQ-VGDPKFVF	
SEQ ID NO:18	AYLAVNYLDRFLSLSEVPDCKDWMTQLLAVACVSLAAKMEETAVPQCLDLQEVGDARYVF	
SEQ ID NO:22	ASTKMXF-----EANSAF	121
		180
SEQ ID NO:31	EGKTIQRMELLVLSTLKWRMQAYTPYTFIDYFMRKMN--GDQIPSRPLISGSMQLILSII	
SEQ ID NO:18	EAKTVQRMELLVLTTLNWRMHAVTPFSYVDYFLNKLNNGGSTAPRSCWLLQSAELILRAA	
SEQ ID NO:22	EARTIKVMELLVFSTLKWRMQAVTACSFIDYFLCKFND--HDTPSMLAFSCSTDILILSTT	181
		240
SEQ ID NO:31	RSIDFLEFRSSEIAASVAMSVSGEIQAKDIDKAMP-CFFIHLDKGRVQKCVELIQDLTTA	
SEQ ID NO:18	RGTCVGFRRPSEIAAAVAAAAGDVDDADGVENAC-C--AHVDKERVLRCQEAIGSMASS	
SEQ ID NO:22	KXADFLVFRHSEIAGSVALPSFGEHKTSVEMATTNCKYIN----KGVXCD-----	241
		300

FIG. 3A



SEQ ID NO:31  
SEQ ID NO:18  
SEQ ID NO:22

TITTAASL-----VPQPIGVLEAAACLSYKSGDERTV-----  
AAIDDATVPPKSARRRSSPVVPQSPVGVLDAAAPCLSYRSEEAATATATATSAASHGAPG  
-----RKDPDEVLPW-----NAYLKF-----  
301 360

SEQ ID NO:31  
SEQ ID NO:18  
SEQ ID NO:22

---GSCTTSSHTKRRKL-----DTSSLEHGTSEKL  
SSSSSTSPVTSKRRKCLASRCDGSCSDRSKRAPAQWTKE  
-----GLRDML  
361 399

FIG. 3B

